

Postweaning Multisystemic Wasting Syndrome (PMWS) Clone 412

ACCAGCGCACTTCGGCAGCGGCAGCACCTCGGCAGCACCTCAGCAGCAACATGCCCAGCAAGAAGAATGGA
AGAAGCGGACCCCAACCACATAAAAGGTGGGTGTTACGCTGAATAATCCTTCCGAAGACGAGCGCAAGAA
AATACGGGAGCTCCCAATCTCCCTATTTGATTATTTTATTGTTGGCGAGGAGGGTAATGAGGAAGGACGAA
CACCTCACCTCCAGGGGTTCGCTAATTTTGTGAAGAAGCAAACCTTTTAATAAAGTGAAGTGGTATTTGGGT
GCCCCTGCCACATCGAGAAAGCCAAAGGAAGTATCAGCAGAATAAAGAATATTGCAGTAAAGAAGGCAA
CTTACTTATTGAATGTGGAGCTCCTCGATCTCAAGGACAACGGAGTGACCTGTCTACTGCTGTGAGTACCT
TGTTGGAGAGCGGGATTCTGGTGACCGTTGCAAAGCAGCACCCCTGTAACGTTTGTCAAAAATTTCCGCGGG
CTGGCTGAACCTTTTGAAAGTGAGCGGGAAAATGCAAAGCGTGATTGGAAAACCAATGTACACTTCATTGT
GGGGCCACCTGGGTGTGGTAAAAGCAAATGGGCTGCTAATTTTGCAAACCCGGAAACCACATACTGGAAAC
CACCTAAAAACAAGTGGTGGGATGGTTACCATGGTGAAAAAGTGGTTGTTATTGATGACTTTTATGGCTGG
CTGCCGTGGGATGATCTACTGAGACTGTGTGATCGATATCCATTGACTGTAAAACTAAAGGTGGAAGTGT
ACCTTTTTTTGGCCCGCAGTATTCTGATTACCAGCAATCAGACCCCGTTGGAATGGTACTCCTCAACTGCTG
TCCCAGCTGTAGAAGCTCTCTATCGGAGGATTACTTCCTTGGTATTTTGGAAGAATGCTACAAAACAATCC
ACGGAGGAAGGGGGCCAGTTCGTCACCCTTTCCCCCCCCATGCCCTGAATTTCCATATGAAATAAATTACTG
AGTCTTTTTTTATCACTTCGTAATGGTTTTTTATTATTCAATTTAGGGTTCAAGTGGGGGGTCTTTAAGATTAA
ATTCTCTGAATTGTACATACATGGTTACACGGATATTGTAGTCCTGGTCGTATTTACTGTTTTTCGAACGCA
GTGCCGAGGCCTACGTGGTCCACATTTCCAGAGGTTTGTAGCCTCAGCCAAAGCTGATTCCTTTTGTTATT
TGGTTGGAAGTAATCAATAGTGGAGTCAAGAACAGGTTTGGGTGTGAAGTAACGGGAGTGGTAGGAGAAGG
GTTGGGGGATTGTATGGCGGGAGGAGTAGTTTACATATGGGTCATAGGTTAGGGCTGTGGCCTTTGTTACA
AAGTTATCATCTAAAATAACAGCAGTGGAGCCCACTCCCCCTATCACCTGGGTGATGGGGGAGCAAGGCCA
GAATTCAACCTTAACCTTTCTTATTCTGTAGTATTCAAAGGGTATAGAGATTTTGTGTTGGTCCCCCTCCCG
GGGGAACAAAGTCGTCAATTTTAAATCTCATCATGTCCACCGCCCAGGAGGGCGTTGTGACTGTGGTACGC
TTGACAGTATATCCGAAGGTGCGGGAGAGGCGGGTGTGAAGATGCCATTTTTCCTTCTCCAACGGTAGCG
GTGGCGGGGGTGGACGAGCCAGGGGCGGCGGAGGATCTGGCCAAGATGGCTGCGGGGGCGGTGTCTTC
TTCTGCGGTAACGCCTCCTTGGATACGTCTAGCTGAAAACGAAAGAAGTGCGCTGCTGTAGTATT

FIG. 1

6069750-1.1.169

469727" 0545003

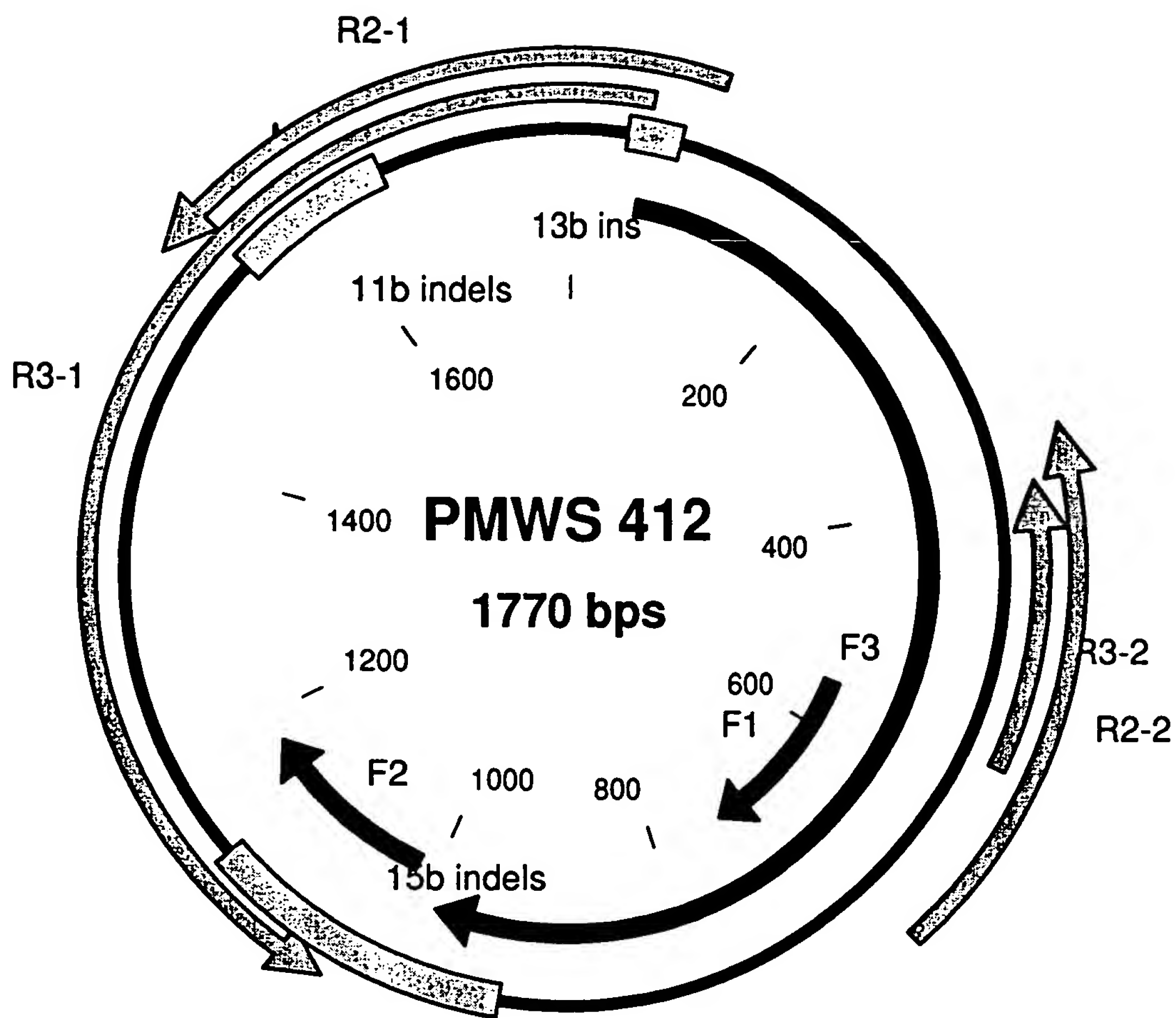


FIG. 2

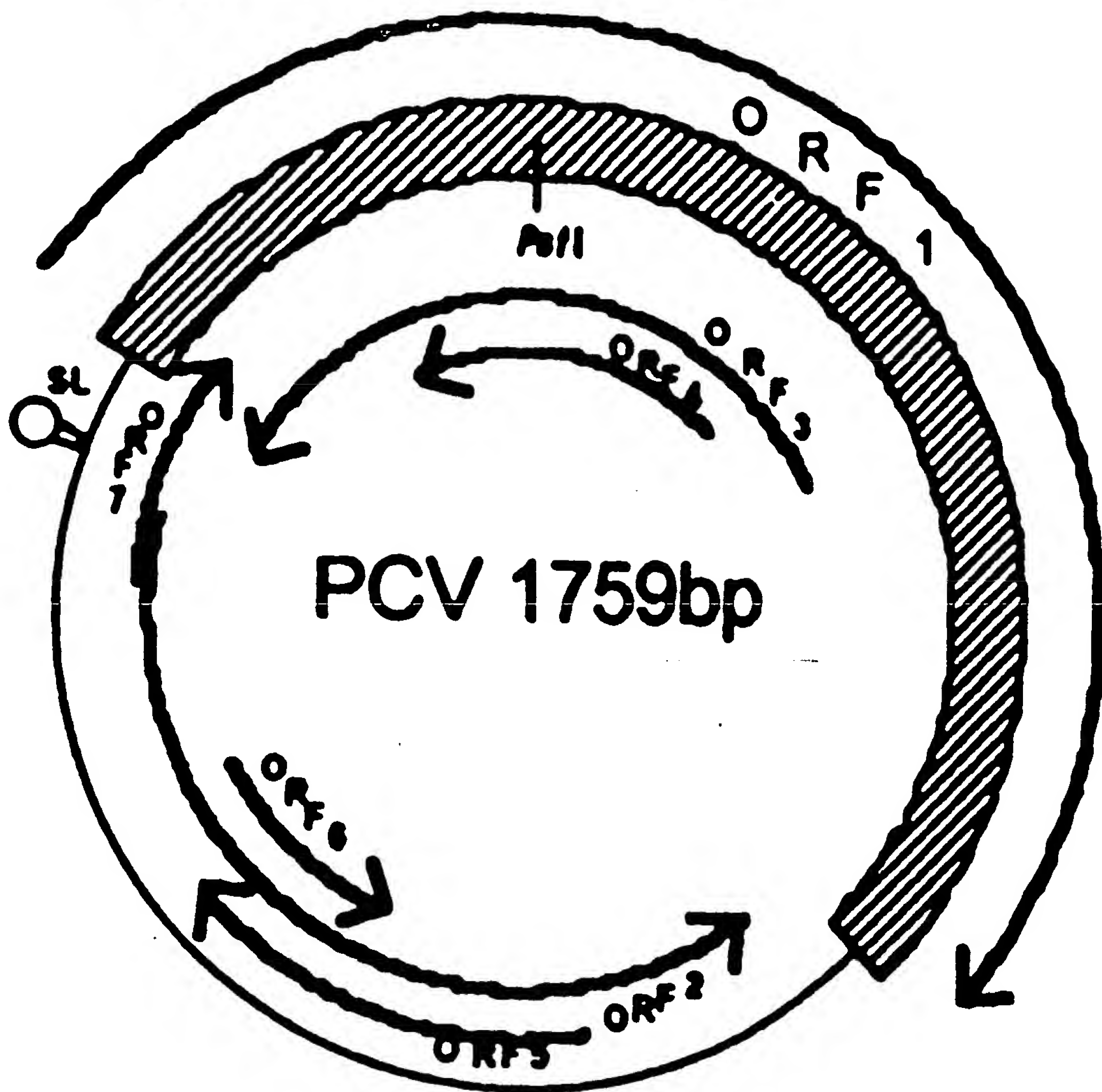


FIG. 3

Accession No. AF011000

2531210945009

```

        610      620      630      640      650      660
412  CTGCTAATTTTGCAAACCCGGAACACATACTGGAAACCACCTAAAAACAAGTGGTGGG
    :  :::::::::: : ::      :: :::::::::: : :  :: :: :::::::::::
PCV  CCCGTAATTTTGCTGAGCCTAGGGACACCTACTGGAAGCCTAGTAGAAATAAGTGGTGGG
    590      600      610      620      630      640

        670      680      690      700      710      720
412  ATGGTTACCATGGTGAAAAAGTGGTTGTTATTGATGACTTTTATGGCTGGCTGCCGTGGG
    :::: : : :::: : : :::: :::: : : :::: ::::::::::: : : : ::::
PCV  ATGGATATCATGGAGAAGAAGTTGTTGTTTGGATGATTTTATGGCTGGTTACCTTGGG
    650      660      670      680      690      700

        730      740      750      760      770      780
412  ATGATCTACTGAGACTGTGTGATCGATATCCATTGACTGTAAAACTAAAGGTGGAAGT
    :::::::::::::::::::::: : : :::::::::::::: : : :::: : : ::::
PCV  ATGATCTACTGAGACTGTGTGACCGGTATCCATTGACTGTAGAGACTAAAGGGGTACTG
    710      720      730      740      750      760

        790      800      810      820      830      840
412  TACCTTTTTTGGCCCGCAGTATTCTGATTACCAGCAATCAGACCCCGTTGGAATGGTACT
    :  :::::::::::::: : : :::::::::::::: : : :::: : : :::::::::::
PCV  TTCCTTTTTTGGCCCGCAGTATTTGATTACCAGCAATCAGGCCCCCAGGAATGGTACT
    770      780      790      800      810      820

        850      860      870      880      890      900
412  CCTCAACTGCTGTCCCAGCTGTAGAAGCTCTCTATCGGAGGATTACTTCCTTGGTATTTT
    :::::::::::::: : : :::::::::::::: : : :::: : : ::::
PCV  CCTCAACTGCTGTCCCAGCTGTAGAAGCTCTCTATCGGAGGATTACTACTTTGCAATTTT
    830      840      850      860      870      880

        910      920      930      940      950
412  GGAAGAATGCTACAAAACAATCCACGGAGGAA - - GGGGGCCAGTTCGTCACCCTTTCCC
    :::: : : : : : : :::::::::::::: : : : : : : : : : : : : : :
PCV  GGAAGACTGCTGGAGAACAATCCACGGAGGTACCCGAAGCCGATTTGAAGCAGTGGACC
    890      900      910      920      930      940

        960      970      980      990      1000      1010
412  CCCCATGCCCTGAATTTCATATGAAATAAATTACTGAGTCTTTTTT - - ATCACTTCGT
    : : : : : : : : :::: : : :::::::::::::: : : :::: : : ::::
PCV  CACCCTGTGCCCTTTTCCCATATAAAATAAATTACTGAGTCTTTTTTGTATCACATCGT
    950      960      970      980      990      1000

        1020      1030      1040      1050      1060      1070
412  AATGGTTTTTTATTATTTCATTTAGGGTTCAAGTGGGGGGTCTTTAAGATTAAATCTCTGA
    :::::::::::::: : : :::: : : : : : : :::::::::: : : :::::::::::
PCV  AATGGTTTTTTATT-TTTATTTA - - TTTA - - - GAGGGTCTTTTAGGATAAATCTCTGA
    1010      1020      1030      1040      1050

        1080      1090      1100      1110      1120      1130
412  ATTGTACATACATGGTTACACGGATATTGTAGTCCTGGTC - GTATTACTGTTTTCGAAC
    :::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
PCV  ATTGTACATAAATAGTCAGCCTTACCACATAATTTTGGGCTGTGGCTGCA - TTTTGGAGC
    1060      1070      1080      1090      1100      1110

        1140      1150      1160      1170      1180      1190
412  GCAGTGCCGAGGCCTACGTGGTCCACATTTCCAGAGGTTTGTAGCCTCAGCCAAAGCTGA
    :: : :::::::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : :
PCV  GCATAGCCGAGGCCTGTGTGCTCGACATTGGTGTGGGTATTTAAATGGAGCCACAGCTGG
    1120      1130      1140      1150      1160      1170
```

FIG. 4B

412 f3
pcv f2-1
scoring matrix: , gap penalties: -12/-2
83.5% identity; Global alignment score: 1855

314 aa vs.
312 aa

```

      10      20      30      40      50      60
MPSKKNRSGPQPHKRWVFTLNNPSEDERKKIRELPISLFDYFIVGEEGNEEGRTPHLQG
.....
MPSKK- -SGPQPHKRWVFTLNNPSEEEKNKIRELPISLFDYFVCGEEGLEEGRTPHLQG
      10      20      30      40      50

      70      80      90     100     110     120
FANFVKKQTFNKVKWYLGARCHIEKAKGTDQQNKEYCSKEGNLLIECGAPRSQGQRSDLS
.....
FANFAKKQTFNKVKWYFGARCHIEKAKGTDQQNKEYCSKEGHILIECGAPRNQGKRSDLS
      60      70      80      90     100     110

      130     140     150     160     170     180
TAVSTLLESGILVTVAQHVPVTFVKNFRGLAELLKVSGKMQRDWKTNVHFIVGPPGCGK
.....
TAVSTLLETGSLVTVAEQFPVTYVRNFRGLAELLKVSGKMQRDWKTAVHVIVGPPGCGK
      120     130     140     150     160     170

      190     200     210     220     230     240
SKWAANFANPETTYWKPPKNKWWDGYHGEKVVIDDFYGWLPWDDLRLCDRYPLTVKTK
.....
SQWARNFAEPRDTYWKPSRNKWWDGYHGEEVVLDLDFYGWLPWDDLRLCDRYPLTVETK
      180     190     200     210     220     230

      250     260     270     280     290
GGTVPFLARSILITSNQTPLEWYSSTAVPAVEALYRRITSLVFWKNATKQSTE-EGGQFV
.....
GGTVPFLARSILITSNQAPQEWYSSTAVPAVEALYRRITTLQFWKTAGEQSTEVPGRFE
      240     250     260     270     280     290

      300     310
TLSPPCPEFPYEINY
.....
AVDPPCALFPYKINY
      300     310

```

FIG. 5A

412 r3-1

pcv r1-1

scoring matrix: , gap penalties: -12/-2

58.9% identity;

261 aa vs.

231 aa

Global alignment score: 999

```

      10      20      30      40      50      60
MLLLRCCRGAAAAEVRWYYSSALLSFSAMTYPRRRYRRRRHRPRSHLGQILRRRPWL VHP
      :
-----W-----PRRRYRRRRTRPRSHLGNILRRRPYLAHP
                        10      20      30

      70      80      90     100     110
--RHRYRWRRKNGIFNTRL SRTFGYTVKRTTVTTPSWAVDMMRFKIDDFVPPGGGTNKIS
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
AFRNR YRWRRKTGIFNSRLSTEFVLTIK-GGYSQPSWNVNLYLKFNIGQFLPPSGGTNPLP
      40      50      60      70      80

120     130     140     150     160     170
IPFEYYRIRKVKVEFWPCSPITQGDRGVGSTAVILDDNFVTKATALTYDPYVNYSSRHTI
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
LPFQYYRIRKAKYEFYPRDPITSNQRGVGSTVVILDANFVTPSTNLAYDPYINYSSRHTI
90      100      110      120      130      140

180     190     200     210     220     230
PQPFSYHSRYFTP KPVLDSTIDYFQPNNKRNQLWLRLQTSGNVDHVGLGTAFENSKYDQD
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
RQPFTYHSRYFTP KPELDQTIDWFHPNNKRNQLWLHLNTHTNVEHTGLGYALQNAATAQN
150     160     170     180     190     200

240     250     260
YNIRVTMYVQFREFNLKDPPLEP
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
YVVRTIYVQFREFILKDP-LNK
210     220     230
```

FIG. 5B

412 r3-2

pcv r2-2

scoring matrix: , gap penalties: -12/-2

40.9% identity;

59 aa vs.

115 aa

Global alignment score: 178

```

      10      20      30      40      50
MKCTLVFQSRFCIFPLTFKSSASPRKFLTNVTGCCFATVTRIPLSNKVLTAVDRSLRCP-
:  ::  :::::  ::::::::::::::::::::::  :::  :  :::::  :::::::::::::::  :
- MTCTAVFQSRCCIFPLTFKSSASPRKFLTYVTGNCSATVTKDPVSKRVLTAVDRSLRFPW
      10      20      30      40      50      60

-----

- FRGAPHSISMWPSLLQYSLFCWSVPFAFSMWQRAPKYHFTLLKVCFLAKFANPWR
      70      80      90     100     110
```

FIG. 5C

20050101 09:21:00

412 r2-2

pcv r1-2

scoring matrix: , gap penalties: -12/-2

29.1% identity;

104 aa vs.

206 aa

Global alignment score: 157

```

      10      20      30      40      50      60
MVTIPPLVFRWFPVCGFRVCKISSPFAFTTPRWPHEVYIGFPITLLHFP AHFQKFSQPA
.....  .:  .:  .....  :  :  .:  .....
- MISIPPLISTR LPVGPRLSKITGPLALPTTGRAHYDVYSCLPITLLHLPAHFQKFSQPA
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90     100
EIFDKRYRVLLCNGHQNPALQQGTHSSRQVTPLSLRSRSSTFNK-----
::  :::  :  .:  :  .....  :  :  .....
- EISHIRYRELLGYSHQRPRLQKGTHSSRQVAALPLVPRSSTLDKYVAFFTAVFFILLVGS
      70      80      90     100     110     120

-----

- FRFLDVAAGTKIPLHLVKSLLLSKIRKPLEVRSSTLFTFLSANKIIKKGDWKLPYFVFL
      130     140     150     160     170     180

-----

- LLGRIIKGEHPPLMGLRAAFLAWHFH
      190     200
```

FIG. 5D

2632210525009

[illegible]

FIG. 6B